

[illegible]

Fig. 1A

BEST AVAILABLE COPY

G S V A C P P P P A Y C N T P P P P Y E 166
GGG AGT GTG GCC TGC CCG CCT CCA GCC TAC TGC AAC ACG CCT CCG CCC CCG TAC GAA 632

Q V V K A K * 173
CAG GTA GTG AAG GCC AAG TAG 653

TGGGGTGGCCACGTGCAAGAGGAGAGACAGGAGGGCCCTTCCCTGGCCCTTCTGTCTTCGTTGATGTTCACTTCCAG 732
GAACGGTCTCGTGGCTGCTAAGGGCAGTTCCCTCTGATATCCTCACAGCAAGCACAGCTCTCTTTCAGGGCTTTCATGG 811
AGTACAAATATATGAACCTCACACTTTGTCTCCTCTGTGTTCTGTGTTCTGACGCAGTCTGTGCTCTCACATGGTAGTGT 890
GGTGACAGTCCCCGAGGGCTGACGCTCCTACGGTGGCGTGACCAAGATCTACAGGAGAGAGACTGAGAGGAGAGAGGCAG 969
TGCTGGAGGTGCAGGTGGCATGTAGAGGGCCAGGCCGAGCATCCAGGCAAGCATCCTTCTGCCCCGGGTATTAATAGG 1048
AAGCCCCATGCCGGGGCTCAGCCGATGAAGCAGCAGCCGACTGAGCTGAGCCAGCAGGTCTCTGCTCCAGCCTGT 1127
CCTCTCGTCAGCCTTCCCTCCAGAAAGCTGTTGGAGAGACATTCAGGAGAGAGCAAGCCCTTGTCTATGTTCTGTCT 1206
CTGTTTCAATCCTAAAGATAGACTTCTCTGCACCCAGGAGGAGTAGCAGCTCTCACCGCAGGATGGGGC 1285
CTAGAATCAGGCTTGCCCTGGAGGCTGACAGTGATCTGACATCCACTAAGCAAAATTTATTTAAATTCATGGGAAATCA 1364
CTTCTGCCCCAAACTGAGACATTTGAGCTCTTGTGAGCTCTTGTGAGAAAGGACTGTTACCCATTTTGTG 1443
GTGTGTTTATGGAAGTGATGAGCGTCTGCCCCCTTGAAATCAGACTGGGTGTGTCTTCCCTGGACATCACTGC 1522
CTCTCCAGGGCATTTCTAGGCCCGGGGTCTCCTTCCCTCAGGCAGCTCCAGTGGTGGTCTCTGAAGGGTCTTCAAA 1601
ACGGGGCACATCTGGCTGGGAAGTCACATGGACTCTTCCAGGGAGAGACAGCTGAGCGGTCTCTCTGAGGTTGT 1680
GTTGGGTCTAAGCGGGTGTGTGCTGGGCTCCAGGAGGAGGAGCTTGTGGGAAAAGACAGGAGAACTGACTCAAC 1759
TGCACTGACCATGTTGTCATAATTAGAATAAAGAAAGTGGTCGGAAATGCACATTCCTGGATAGGAATCACAGCTCA 1838
CCCCAGGATCTCACAGGTAGTCTCCTGAGTAGTTGACGGCTAGCGGGGAGCTAGTTCCGCCGCATAGTTATAGTGTGA 1917
TGTGTGAACGCTGACCTGTCTGTGTGCTAAGAGCTATGACAGCTTAGCTGAGCGCCTAGATTAAGATGTGCTGTAT 1996
CACGGGAATGAGGTGGGGTGTCTATTTTAAATGAACATAATCAGAGCCTCTTGAGAAAATTTGTTACTCATTTGAACCTGG 2075
AGCATCAAGACATCTCATGGAAAGTGGATACGGAGTGATTTGGTGTCCATGCTTTTCACTCTGAGGACATTTAATCGGAG 2154

Fig. 1B

AACCTCCTGGGGAATTTGTGGGAGACACTTGGGAACAAAAACAGACACCCCTGGGAATGCAGTTGCAAGCACAGATGCTG 2233
 CCACCAGTGTCTCTGACCACCCCTGGTGTGACTGCTGACTGCCAGCGTGGTACCTCCCATGCTGCAGGCCCTCCATCTAAA 2312
 TGAGACAACAAAGCACAAATGTTCACTGTTTACAACCAAGACAACTGCGTGGTCCAAACACTCCTCTTCTCCAGGTCA 2391
 TTTGTTTTTGCAATTTTAATGTCTTTATTTTGTAAATGAAAAAGCACACTAAGCTGCCCCCTGGAATCGGGTGCAGCTGA 2470
 ATAGGCACCCCAAAGTCCGTGACTAAATTTTCGTTTGTCTTTTGTATAGCAAAATTAATGTTAAGAGACAGTGGCTAGG 2549
 GCTCAACAAATTTGTATTTCCCATGTTTGTGAGACAGAGTTTGTTCCTTGAACCTGGTTAGAAATTTGTGCTACTGT 2628
 GAACGCTGATCCTGCATATGGAAGTCCCACTTTGGTGACATTTCTTGCCCATTTCTTCCATTGTGTGGATGGTGGG 2707
 TTGTGCCCACTTCCCTGGAGTGAGACAGCTCCTGGTGTGTAGAAATTCCTGGAGCGTCCGTTGTTTCCAGTAAACTTGAAG 2786
 CAGATCTGTGCATGCTTTTCCCTCTGCAACAAATGGCTCGTTTCTCTTTTGTCTCTTTTGTATAGGATCCTGTTTCCT 2865
 ATGTGTGCAAAATAAAATAAATTTGGGCAAAAAAATAAAAAAATAAAAAAATAAAAAAATAAAAAAATAAAAAA 2944
 AAAAAAAGGGGGCGGC 2964

Fig. 1C

GTCGACCCACGCGTCCGGCCGCGGCTCCTTCTGCCCCGCTTCAGCTCGTATCCCCGGAGTCCACCCGCCCGTCCCCGGGGT 79
 M G R R L 5
 GCGGACTGGCCCTGAGCTGGCCGTACAGCCCGGCTTCGGACGGTCCCTCGCTGGAGCC ATG GGC CGC CGG CTC 151
 G R V A A L L L G L L L V E C T E A K K H 25
 GGC AGG GTG GCG GCG CTG CTG CTC GGG CTG CTA GTG GAG TGC ACT GAG GCC AAA AAA CAT 211

Fig. 1D

C	W	Y	F	E	G	L	Y	P	T	Y	Y	I	C	R	S	Y	E	D	C	45
TGC	TGG	TAT	TTT	GAA	GGA	CTC	TAT	CCC	ACA	TAC	TAT	ATA	TGC	CGT	TCC	TAT	GAA	GAC	TGC	271
C	G	S	R	C	C	V	R	A	L	S	I	Q	R	L	W	Y	F	W	F	65
TGT	GGC	TCC	AGG	TGC	TGT	GTG	AGG	GCC	CTT	TCC	ATA	CAG	AGG	CTG	TGG	TAT	TTT	TGG	TTC	331
L	L	M	M	G	V	L	F	C	C	G	A	G	F	F	I	R	R	R	M	85
CTG	CTG	ATG	ATG	GGT	GTG	CTG	TTC	TGC	TGT	GGT	GCC	GGT	TTC	TTC	ATT	CGC	CGG	CGC	ATG	391
Y	P	P	P	L	I	E	E	P	T	F	N	V	S	Y	T	R	Q	P	P	105
TAT	CCG	CCA	CCA	CTC	ATT	GAG	GAG	CCC	ACA	TTC	AAT	GTG	TCC	TAT	ACC	AGG	CAG	CCA	CCA	451
N	P	A	P	G	A	Q	Q	M	G	P	P	Y	Y	T	D	P	G	G	P	125
AAT	CCT	GCT	CCA	GGA	GCA	CAG	CAA	ATG	GGA	CCG	CCA	TAT	TAC	ACC	GAC	CCT	GGA	GGA	CCC	511
G	M	N	P	V	G	N	T	M	A	M	A	F	Q	V	Q	P	N	S	P	145
GGG	ATG	AAT	CCT	GTT	GGC	AAT	ACC	ATG	GCT	ATG	GCT	TTC	CAG	GTC	CAG	CCC	AAT	TCA	CCT	571
H	G	G	T	T	Y	P	P	P	P	S	Y	C	N	T	P	P	P	P	Y	165
CAC	GGA	GGC	ACA	ACT	TAC	CCA	CCC	CCT	TCC	TCC	TAC	TGC	AAC	ACG	CCT	CCA	CCC	CCC	TAT	631
E	Q	V	V	K	D	K	*													173
GAA	CAG	GTG	GTG	AAG	GAC	AAG	TAG													655
CAAGATGCTACATCA	AAGGCAAGAGGATGGACAGGCCCTTTTGT	TACCTTCCCATCCTCACC	GATACTTGCTGATAG	734																

Fig. 1E

GGTGGTCCAAAGGGAACCTGGATATTCTCAAAGCAAGCCAGCTCTCTTCAAGTCTTTTGTGGAGACATTTGAATC 813
CACACTGTCTCCTGTGCTTCTGTCTGTCTCTGAGAGAGTGTGGCAACAGTCCCTGAGGGTT 892
GATATTCTAGGGTGTCCAGGGTAGATCCTCGGAGAGAGGCTAAGGGAAAGGAAGCATAGCCTGTGTGTAGGGGG 971
CAGATAAAGTGTGAGCTGAGATAAGACTCACATGATGCGAGTAGTTGGCAGTGAACCTTCGAAAGAGACACTATCCACCA 1050
TCCAGCCCATCTCCTAATAGAAAGCTGTGGGGCTGTGTTGTTGATGCTCTTTGGTCTCCACTCACATTTTGAAAATAG 1129
GCTTTCCTCTGCAGGAATAGGAAAGACCCCAAGTACATATTGCTTCCACTTAAAAATGAGGGTCAGAACCCAGGCCTCAG 1208
TTGGACATCTATAGTTAAATAAAGGCCATTAGAGAGGGGAAATCTTTAAGTTAGGGGAAATTCCTAAATGGAGACATT 1287
GCGTTTATGAATCATCGTCTGGCTTTCTTTTAGTGCATGATTGAAGTGAGGGTGTCTCTTTGAGATCAGATGGGGAG 1366
AGTGAACCTCTGCGGGGGTGGGGTGTCTCTACTCAGAGGGCTCCAACACCCTTTCTTAGGTAGTTCTGTGTATGGGTT 1445
TTATGGGCACTATAGAGCTGAGGGGCACATTAGGCCGGGTAGTTACATTTGACCCCTTGGAGAGGAAGGACAGCCAAAG 1524
AAACTCAGCAAAAGCAAGACCAGCATTTGCTGAGTTAGAGCTAGGGTTGTATGTGATCCCAACAGAGAGATGTGCTGGCCTCA 1603
GAAGAGGGGACGTTTGTGGATAGAGCCGTGAAAACCTACTTAGTTGCACAGATGACATAAATCAAAAGTAGAGAAAGAAAG 1682
TGAGTTAGAGATGCCATTTCCAGGTGAGAAATCAGAGCTCATCCATAGATTTACAAGTAGTGGCTGGAGTTAACAGTA 1761
TGGAGTTCTTTCCCTTGGTAGTTAGTCACGTTGATGTGATTTAAACCCAGTTGAGACCTTGTGTACTAAGAGCAA 1840
GGAAGTATAGCTAAGATGTCTAGATTATTATATGATAGTATGTTGGGAGTGGGCTGCAAGGAAGGGGCTGACATTG 1919
TAAATGAGAAAAATCAGAGCCATTTGATAAACTGTTACTTGTGATCAGGCATCCAAAAGTGTCTCTTGTAGTGGACATT 1998
GAGTATCTTTACCACCTACAAGACCAGGAGCATGGTGTCAATCTCCATTGGGGTATTTATATGAGGTAGAGGTTTCAG 2077
GAATCGACAGTAGCTGTGGGCTTAGTTTAAAGGACTGAAAGCATAGGGACTGGTAGACAGTTTCATAGGAAACTGCCG 2156
GGAAGGAATGGATACCTTTAAAGACAGTTTGTGGATGCAGATGCTGCCACCCATCATTTGAGCACCCCTTGTGTCTCTGGC 2235
TTCCCTGTCACTGGATCCAGTACCCCTCCATGCTTGGGTCCCTTGTTTTACATAAGACAACAAAGCACAAATGTCTGTGTT 2314
TACAAATCAAGACGACTACATGGTCCAAACATTTCTCTCTCTATCACTTGTGGCTTTAACTTCCATTTCCCTCCGTT 2393
CCTTTTAAATCAAGAAGCACAGTCAGAGCTGCCCTGGGATTCATCAGGAAACGGCTGATCAAGGCATTCAGTGTC 2472
CATGACTAAATCTTATCTTTTGTATAGCAAAATCCTTTTAAAGAACTGAACAAATTGCTAAGGCTCAGCAATTTTATACTC 2551
CAATGTCTGTGAAGTAAATTTTGTGTTTGGCCATTGAGCCCAATTTGGAATTCCTTCTGACGTCACACACTGACAATGCCT 2630
ATGGAAATTGCACCTCTGGGTATATGTCCCAGCATCCTTGTTTTCTTATGTTTGGTGAGTAAGGCTCACCCCTTCCAGC 2709

Fig. 1F

AGCTCTACTTCTGTGCTGAGGTCCTGTAGAGCCGGGCTTGGCACAGACATGAGGCAGACTTGTGCATGCTCTTC 2788
 TTGGCAACACTTGGCTCATATTCTTGTCTCTTTTGATAGAGTCCTGTTCCTATGTATTTAAAAAATAATAAAGTG 2867
 AATTAGTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGGCGGCGCGC 2915

Fig. 1G

	10	20	30	40	50	60	70
Hum.	MRRQPAKVAALLGLLLECTEAKKHCWYFEGLYPTYYICRSYEDCCGSRCCVRALSIQRLWYFWFLMMG						
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	MGRRLGRVAALLGLLVECTEAKKHCWYFEGLYPTYYICRSYEDCCGSRCCVRALSIQRLWYFWFLMMG						
	10	20	30	40	50	60	70
Hum.	VLFCGAGFFIRRRMYPPPLIEEPAFNVSYTRQPPNPGGAQQPGPPYYTDPGGPMNPVGNMAMAFQV						
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	VLFCGAGFFIRRRMYPPPLIEEPTFNVSYTRQPPNPAPGAQQMGPPYYTDPGGPMNPVGNMAMAFQV						
	80	90	100	110	120	130	140
Hum.	PPNSPQGSVACPPPPAYCNTPPPPYEQVVKAK						
	:	:	:	:	:	:	:
Mur.	QPNSPHGTTYPPPPSYCNTPPPPYEQVVKDK						
	150	160	170				

Fig. 1H

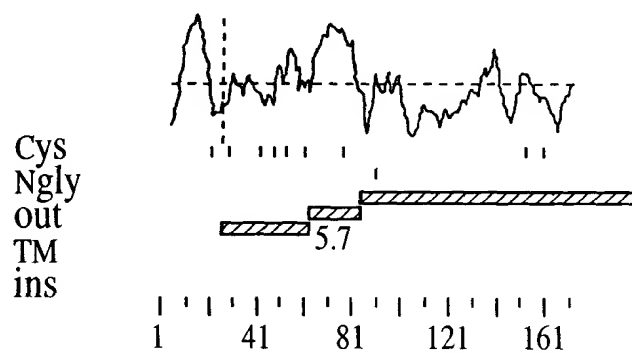


Fig. 1I

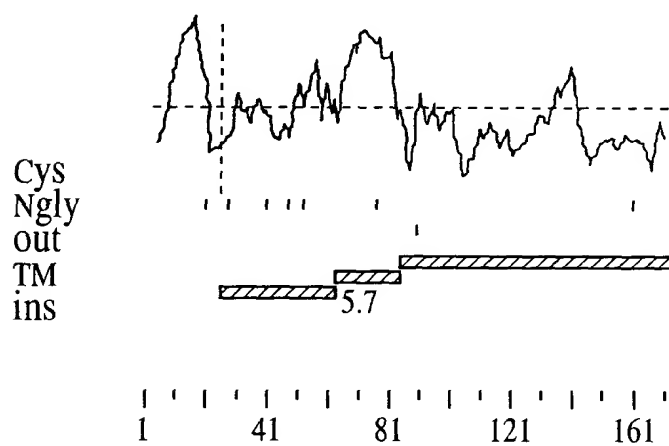


Fig. 1J

097654-01101

GTCGACCCACGCTCCGAAATGTCGTTCTTCAGATTAAAAAGAAAACCTTTACTGAATCAGCTGAGTGTTAATAATA	79
CGAATTTCCTTTTCTTGCCAAATCTGATCTGAACAGAAAAATCCAAGAACAGGGAT ATG TGT GGA TTA CAG TTT	6 152
S L P C L R L F L V V T C Y L L L L L L H	26
TCT CTG CCT TGC CTA CGA CTG TTT CTG GTT ACC TGT TAT CTT TTA TTA CTC CAC	212
K E I L G C S S V C Q L C T G R Q I N C	46
AAA GAA ATA CTT GGA TGT TCG TCT GTT TGT CAG CTC TGC ACT GGG AGA CAA ATT AAC TGC	272
R N L G L S S I P K N F P E S T V F L Y	66
CGT AAC TTA GGC CTT TCG AGT ATT CCT AAG AAT TTT CCT GAA AGT ACA GTT TTT CTG TAT	332
L T G N N I S Y I N E S E L T G L H S L	86
CTG ACT GGG AAT AAT ATA TCT TAT ATA AAT GAA AGT GAA TTA ACA GGA CTT CAT TCT CTT	392
V A L Y L D N S N I L Y V Y P K A F V Q	106
GTA GCA TTG TAT TTG GAT AAT TCT AAC ATT CTG TAT GTA TAT CCA AAA GCC TTT GTT CAA	452
L R H L Y F L F L N N N F I K R L D P G	126
TTG AGG CAT CTA TAT TTT CTA AAT AAT AAT TTC ATC AAA CGC TTA GAT CCT GGA	512

Fig. 2A

I	F	K	G	L	L	N	L	R	N	L	Y	L	Q	Y	N	Q	V	S	F	146
ATA	TTT	AAG	GGA	CTT	TTA	AAT	CTT	CGT	AAT	TTA	TAT	TTA	CAG	TAT	AAT	CAG	GTA	TCT	TTT	572
V	P	R	G	V	F	N	D	L	V	S	V	Q	Y	L	N	L	Q	R	N	166
GTT	CCG	AGA	GGA	GTA	TTT	AAT	GAT	CTA	GTT	TCA	GTT	CAG	TAC	TTA	AAT	CTA	CAA	AGG	AAT	632
R	L	T	V	L	G	S	G	T	F	V	G	M	V	A	L	R	I	L	D	186
CGC	CTC	ACT	GTC	CTT	GGG	AGT	GGT	ACC	TTT	GTT	GGT	ATG	GTT	GCT	CTT	CGG	ATA	CTT	GAT	692
L	S	N	N	N	I	L	R	I	S	E	S	G	F	Q	H	L	E	N	L	206
TTA	TCA	AAC	AAT	AAC	ATT	TTG	AGG	ATA	TCA	GAA	TCA	GGC	TTT	CAA	CAT	CTT	GAA	AAC	CTT	752
A	C	L	Y	L	G	S	N	N	L	T	K	V	P	S	N	A	F	E	V	226
GCT	TGT	TTG	TAT	TTA	GGA	AGT	AAT	AAT	TTA	ACA	AAA	GTA	CCA	TCA	AAT	GCC	TTT	GAA	GTA	812
L	K	S	L	R	R	L	S	L	S	H	N	P	I	E	A	I	Q	P	F	246
CTT	AAA	AGT	CTT	AGA	AGA	CTT	TCT	TTG	TCT	CAT	AAT	CCT	ATT	GAA	GCA	ATA	CAG	CCC	TTT	872
A	F	K	G	L	A	N	L	E	Y	L	L	L	K	N	S	R	I	R	N	266
GCA	TTT	AAA	GGA	CTT	GCC	AAT	CTG	GAA	TAC	CTC	CTC	CTG	AAA	AAT	TCA	AGA	ATT	AGG	AAT	932
V	T	R	D	G	F	S	G	I	N	N	L	K	H	L	I	L	S	H	N	286
GTT	ACT	AGG	GAT	GGG	TTT	AGT	GGA	ATT	AAT	AAT	CTT	AAA	CAT	TTG	ATC	TTA	AGT	CAT	AAT	992

Fig. 2B

TTGTTTGGT

D L E N L N S D T F S L L K N L I Y L K	306
GAT TTA GAG AAT TTA AAT TCT GAC ACA TTC AGT TTG TTA AAG AAT TTA ATT TAC CTT AAG	1052
L D R N R I I S I D N D T F E N M G A S	326
TTA GAT AGA AAC AGA ATA ATT AGC ATT GAT AAT GAT ACA TTT GAA AAT ATG GGA GCA TCT	1112
L K I L N L S F N N L T A L H P R V L K	346
TTG AAG ATC CTT AAT CTG TCA TTT AAT AAT CTT ACA GCC TTG CAT CCA AGG GTC CTT AAG	1172
P L S S L I H L Q A N S N P W E C N C K	366
CCG TTG TCT TCA TTG ATT CAT CTT CAG GCA AAT TCT AAT CCT TGG GAA TGT AAC TGC AAA	1232
L L G L R D W L A S S A I T L N I Y C Q	386
CTT TTG GGC CTT CGA GAC TGG CTA GCA TCT TCA GCC ATT ACT CTA AAC ATC TAT TGT CAG	1292
N P P S M R G R A L R Y I N I T N C V T	406
AAT CCC CCA TCC ATG CGT GGC AGA GCA TTA CGT TAT ATT AAC ATT ACA AAT TGT GTT ACA	1352
S S I N V S R A W A V V K S P H I H K	426
TCT TCA ATA AAT GTA TCC AGA GCT TGG GCT GTT GTA AAA TCT CCT CAT ATT CAT CAC AAG	1412
T T A L M M A W H K V T T N G S P L E N	446
ACT ACT GCG CTA ATG ATG GCC TGG CAT AAA GTA ACC ACA AAT GGC AGT CCT CTG GAA AAT	1472

Fig. 2C

TGGTQ: TGGTQ

T	E	T	E	N	I	T	F	W	E	R	I	P	T	S	P	A	G	R	F	466
ACT	GAG	ACT	GAG	AAC	ATT	ACT	TTC	TGG	GAA	CGA	ATT	CCT	ACT	TCA	CCT	GCT	GGT	AGA	TTT	1532
F	Q	E	N	A	F	G	N	P	L	E	T	T	A	V	L	P	V	Q	I	486
TTT	CAA	GAG	AAT	GCC	TTT	GGT	AAT	CCA	TTA	GAG	ACT	ACA	GCA	GTG	TTA	CCT	GTG	CAA	ATA	1592
Q	L	T	T	S	V	T	L	N	L	E	K	N	S	A	L	P	N	D	A	506
CAA	CTT	ACT	ACT	TCT	GTT	ACC	TTG	AAC	TTG	GAA	AAA	AAC	AGT	GCT	CTA	CCG	AAT	GAT	GCT	1652
A	S	M	S	G	K	T	S	L	I	C	T	Q	E	V	E	K	L	N	E	526
GCT	TCA	ATG	TCA	GGG	AAA	ACA	TCT	CTA	ATT	TGT	ACA	CAA	GAA	GTT	GAG	AAG	TTG	AAT	GAG	1712
A	F	D	I	L	L	A	F	F	I	L	A	C	V	L	I	I	F	L	I	546
GCT	TTT	GAC	ATT	TTG	CTA	GCT	TTT	TTC	ATC	TTA	GCT	TGT	GTT	TTA	ATC	ATT	TTT	TTG	ATC	1772
Y	K	V	V	Q	F	K	Q	K	L	K	A	S	E	N	S	R	E	N	R	566
TAC	AAA	GTT	GTT	CAG	TTT	AAA	CAA	AAA	CTA	AAG	GCA	TCA	GAA	AAC	TCA	AGG	GAA	AAT	AGA	1832
L	E	Y	Y	S	F	Y	Q	S	A	R	Y	N	V	T	A	S	I	C	N	586
CTT	GAA	TAC	TAC	AGC	TTT	TAT	TAT	CAG	TCA	GCA	AGG	TAT	AAT	GTA	ACT	GCC	TCA	ATT	TGT	1892
T	S	P	N	S	L	E	S	P	G	L	E	Q	I	R	L	H	K	Q	I	606
ACT	TCC	CCA	AAT	TCT	CTA	GAA	AGT	CCT	GGC	TTG	GAG	CAG	ATT	CGA	CTT	CAT	AAA	CAA	ATT	1952

Fig. 2D

TTT "TSS" 60

V	P	E	N	E	A	Q	V	I	L	F	E	H	S	A	L	*	623
GTT	CCT	GAA	AAT	GAG	GCA	CAG	GTC	ATT	CTT	TTT	GAA	CAT	TCT	GCT	TTA	TAA	2003
CTCAACTAAATATTG	CTCTATAAGAACTTCAGTGC	CATGGACATGATTAAACTGAAACCTCCTTATATATATATAC	2082														
TTTAGTTGGAAATATAATGAATTATATAGAGGTAGCATTATTAATAATATGTTTTTAATAAAAAA	AAAAAAGG	2161															
GCGGCCGC	2169																

Fig. 2E

TO6TFO" T599460

13/67

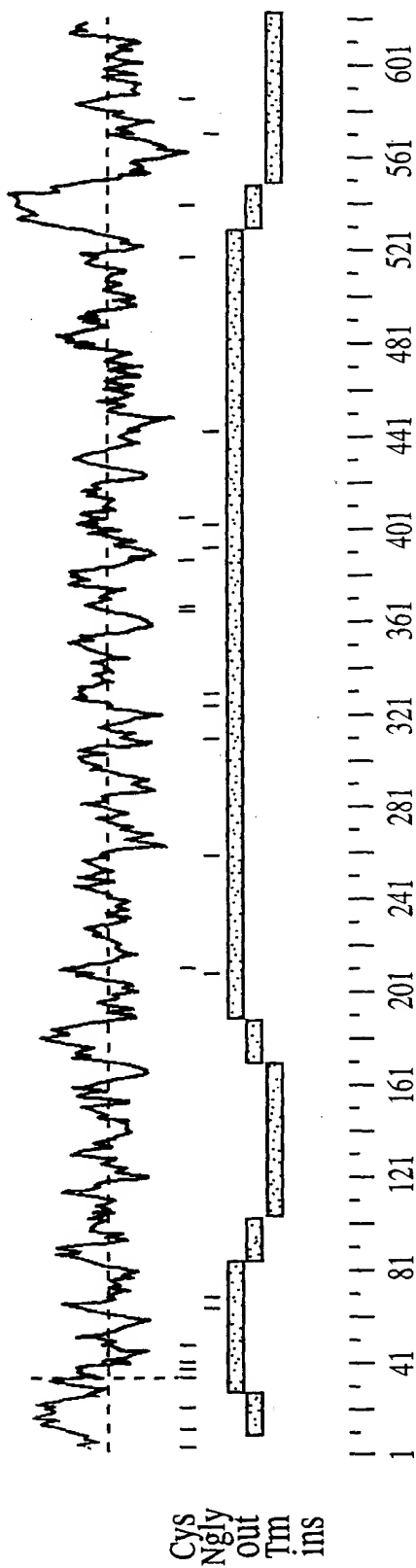


FIG. 2F

T06T0" T1599200

```

280      290      300      310      320      330      340
Slit AACTCSNNIVDCRGKGLTEIPTNLPETITEIRLEQNTIKVIPPGAFSPYKKLRRIDLSNNQISELAPDAF
325 -----
      :: :::::
      LRILDSNNNI-----
      190

350      360      370      380      390      400      410
Slit QGLRSLNSLVLYGNKITEPKSLFEGFLSLQLLLLNANKINCLRVDAFQDLHNLNLLSLYDNKLQTIAGK
      :: ::
      ISE-----
      325 --LR-----
      :::::
      SGFQHLENLACL-----
      200

420      430      440      450      460      470      480
Slit TFSPLRAIQTMHLAQNPFICDCHLKWLDYHLHTNPIETSGARCTSPRRLANKRIGQIKSKKFRCSAKEQY
      :: ::
      YLGSN-----
      325 -----
      210

490      500      510      520      530      540      550
Slit FIPGTEDYRSKLSGDCFADLACPEKRCRCEGTTVDCSNQKLNKIPEHIPQYTAELRLNNNEFTVLEATGIF
      :::::
      NLTKVP-----
      325 -----
      SNAFEVLKS-----
      220

```

Fig. 2H

Fig. 21

Table 1.59.60

```

840      850      860      870      880      890      900
Slit  GNDISVVEGAFNDLSALSHLAIGANPLYCDCNMQLSDWVKSEYKEPGIARCAGPGEMADKLLLTTPSK
      ... :: ... :: ... :: ... :: ... ::
325  -----SSLIHLQANSNPWECNCKLLGLRDWLAS-----
      350      360      370

910      920      930      940      950      960      970
Slit  KFTCQGPVDVNIILAKNPCLSNPCKNDGTCNSDPVDFYRCTCPYGFKGQDCDVPIHACISNPCKHGGTCH
      ... :: ... :: ... :: ... :: ... ::
325  -----SAITLNI-----Y-----CQNP-----PSMRG-----
      380                                390

980      990      1000     1010     1020     1030     1040
Slit  LKEGEDGFWCICADGFEGENCEVNVDDCEDNDCENNSTCVDGINNYTCLCPPEYTGELCEEKLDFAQD
      ... : ... : ... : ... : ... :
325  -----RALRYI-----NITNCV-----
      400

1050     1060     1070     1080     1090     1100     1110
Slit  LNPCQHDSKCILTPKGFKCDCTPGYVGEHCDIDFDDCQDNKCKNGAHCTDAVNNGYTCICPEGYSGLFCEF
      ... : ... : ... : ... : ... :
325  -----TSSIN-----
      410

```

Fig. 2J

T06F0-T99F60

```

1120      1130      1140      1150      1160      1170      1180
Slit  SPPMVLPRTPCDNFDCQNGAQCIVRINEPICQLPGYQGEKCEKLVSVNFINKESYLQIPSAKVRPQTN
      .:. .      .:.      .:.      .:.      .:.      .:.
325  -----VRAWA-----VVK-----SPHIIHKTTALMMAWHKV-----
      420      430

1190      1200      1210      1220      1230      1240      1250
Slit  ITLQIATDEDSGILLYKGDKDHIAVELYRGRVRASYDTGSHPASAIYSVETINDGNFHIVELLALDQSL
      .:. . .      .:. . .      .:. . .      .:. . .      .:. . .      .:.
325  -----TTNGSP---LENTETENIT---FWERIPTS-----PAGRFFQENAFGNP-LETTAVLPVQIQLT
      440      450      460      470      480

1260      1270      1280      1290      1300      1310      1320
Slit  LSVDDGNPKIITNLSKQSTLNFDSPLYVGGMPGKSNVASLRQAPGQNGTSFHGCIRNLYINSELQDFQKV
      .:.      .:.      .:.      .:.      .:.      .:.
325  TSV-----TLNLEKNSALPNDA-----MSGKTSLI-----CT-----QVEVEKL
      490      500      510      520

1330      1340      1350      1360      1370      1380      1390
Slit  PMQTGILPGCEPCHKKVCAHGTCQPSSQAGFTCECQEGWMGPLCDQRTNDPCLGNKCVHGTCLPINAFSY
      .:. .      .:.
325  NEAFDILLA-----F-----FIL
      530

```

Fig. 2K

FIG. 2L

1400	1410	1420	1430	1440	1450	1460
Slit	SCKCLEGHGGVLCDEEEDLFN	PCQA	IKCKHKGKRLSGLGQ	PYCEC	SSGYTG	SDREISCRGERIRDYYQ
:	:	:	:	:	:	:
325	AC	VL	II	FLIYKVVQFKQ	KLKA	SENS
	540	550		560		570
1470	1480	1490	1500	1510	1520	
Slit	KQQGYAACQTTK	KVSRLECRGGCAGGCCG	PLRSKRKRKYSFECT	DGSSFV	DEVEKVVKCGCTRCVS	
:	:	:	:	:	:	:
325	SF	YQSARYNV	TASICNTSPNSLES	PGLEQIRLHK	QIVPENEAQVI	LFEHSAL
	580	590	600	610	620	

Fig. 2L

```

10      20      30      40      50      60      70
Slit  CAGAGCAGGTGAGAGGCGGTGGAGCGTGTCCTGAGTGGGCTCTACTGCCTTGTTCCATATT
325  -----

      80      90      100     110     120     130     140
Slit  TTGTGCACATTTCCCTGGCACTCTGGGTGCTAGCCCCCGGGCACTGGGCCCTCAGACACTGCGCGGT
325  -----

150     160     170     180     190     200     210
Slit  TCCCTCGGAGCAGCAAGCTAAAGAAAGCCCCCAGTGCCGGCGAGGAAGGCGCGGGGAAAGATGCCG
325  -----

220     230     240     250     260     270     280
Slit  GCGGTGGCTGGCAGATGCTGTCCCTGTCTGCTGGGTTAGTGCTGGCGATCCTGAACAAGGTGCACCCG
      ::::
325  -----GTCG-----ACCG-----

```

Fig. 2M-1

Figure 2M-2

```

290      300      310      320      330      340      350
Slit AGCGTGCCCGGCAGTGCTCTTGCTCGGGCAGCACAGTGGACTGTACGGGCTGGCGTGGCAGCGT
325 -----CACG-----CGT
      10

360      370      380      390      400      410      420
Slit GCCCAGGAATATCCCCCGCAACACCGAGAGACTGGATTAAATGGAAATAACATCACAGAATTACGAAG
      :.:.:.:.:.:.:
325 --CCGGAAATGTC-----
      20

430      440      450      460      470      480      490
Slit ACAGATTTTGCTGGTCTTAGACATCTAAGAGTTCTTCAGCTTATGGAGAAATAAGATTAGCACCATTGAAA
      :.:.:.:.:.:.:
325 -----GTTCTTCAGATTTAAGAAAAAGAAAA-----CCTTTA---
      30      40      50

500      510      520      530      540      550      560
Slit GAGGAGCATCCAGGATCTTAAAGAACTAGAGAGACTGCGTTTAAACAGAAATCACCTTCAGCTGTTTCC
      :.:.:.:.:.:.:
325 -----CTGAATC-----AGCT-GAGTG-----TTAAT---AATACG-----AATTTC
      60      70      80

```

Fig. 2M-2

Figure 2M-3

```

570      580      590      600      610      620      630
Slit TGAGTTGCTGTTCTTGGGACTGCGAAGCTATACAGGCTTGATCTCAGTGAACCAAAATTCAGGCAATC
:      ::::: : ::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
325 T-----TTTCTTG---C--CAATTCTGATCTGA-----ACAGA-AAATCCAAGAACAGG-----
      90      100      110      120      130

640      650      660      670      680      690      700
Slit CCAAGGAAAGCTTCCCGTGGGGCAGTTGACATAAAAAATTTGCAACTGGATTACAACCAGATCAGCTGTA
:      ::::: : ::: :::: :::: :::: :::: ::::
325 -----GATATGTG-----TGGATTACA-----GTT
      140      150

710      720      730      740      750      760      770
Slit TTGAAGATGGGGCATTCAGGGCTCTCCGGGACCTGGAAGTGCTCACTCTCAACAATAACAATTACTAG
:      ::::: : ::: :::: :::: :::: :::: ::::
325 TT-----CTCT-----GCCT-----TGC-----CTACGA-----
      160      170

780      790      800      810      820      830      840
Slit ACTTCTGTGGCAAGTTTCAACCATAATGCCCTAAACTTAGGACTTTTCGACTGCATTCAAACAACCTGTAT
:      ::::: : ::: :::: :::: :::: :::: ::::
325 -----CTGTTTCTGTTGTTACCTGTTA-----TCTTTT-----AT
      180      190      200

```

Fig. 2M-3

```

      850      860      870      880      890      900      910
Slit  TGTGACTGCCACCTGGCCTGGCTCTCCGACTGGCTTCGCCAAAGCCTCGGGTTGGTCTGTACACTCAGT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325  TATTACT-CCACAAAG-----AAATAC-----TTGGA-TGTTCG-TC--T
      210      220      230

```

```

          920      930      940      950      960      970      980
Slit  GTATGGCCCCCTCCACCTGAGAGGCCATAATGTAGCCGAGGTTCAAAACGAGAAATTGTTCTGCAGTGG
          ::::  ::      ::      ::      ::      ::      ::
325  GTTTG-----TC-----AGC-----TCTGCACCTGG
          240                                250

```

```

          990      1000      1010      1020      1030      1040      1050
Slit  TCACCAGTCATTATGGCTCCTTCTTGTAGTGTTTGCACTGCCCTGCCGCTGTACCTGTAGCAACAAT
          :::::::::::      :::::      :::::      :::::      :::::
325  G-----AGACAAATTA-----ACTGCC-----GTAACCTAGGC-----
          260          270          280

```

```

1060      1070      1080      1090      1100      1110      1120
Slit  ATCGTAGACTGTCGTGGAAAGGTCCTCACTGAGATCCCCACAATCTTCCAGAGACCATCACAGAAATAC
      :: :::::  .. ::  :::::  :: :::::  :: :::::  :: :::::  :: :::::
325  -----CTTTCGAG-----TATTC---CTAAGA-----ATTTTCCTGAAA--GT-ACAGTTTTC
      290      300      310      320

```

Fig. 2M-4

Fig. 2M-5


```

1620      1630      1640      1650      1660      1670      1680
Slit ACAGATCAAAAGCAAGAAATTCGGTTGTTTCAGCTAAAGAACAGTATTTTCATTCAGGTACAGAAGATTAT
      ::::  ::::  ::::  ::::  ::::  ::::  ::::
325 ACAGT--ATAATCAGGTA--TCTTTTGTTTC--CGAGAGG--AGTATTTTAAT-----
      560      570      580      590

```

Fig. 2M-6

TOPP: T33460

```

1690      1700      1710      1720      1730      1740      1750
Slit  CGATCAAAATTAAAGTGAGACTGCTTTGCGGATCTGGCTTGCCCTGAAAAGTGTGCTGTGAAGGAACCA
      :::::::::::
      ::::::
325  -GATCTAGTTT-----CAGTTTCAG-----
      600      610

1760      1770      1780      1790      1800      1810      1820
Slit  CAGTAGATTGCTCTAATCAAAAGCTCAACAAAAATCCCGGAGCACATTTCCCGAGTACACTGCAGAGTTGCG
      :::::::::::
      ::::::
325  -----TACTTAAATCTA-----CAAA-----GGAA-----TCGCCT-----CACTG-----
      620      630      640

1830      1840      1850      1860      1870      1880      1890
Slit  TCTCAATAATAATGAATTTACCGTGTGGAAGCCACAGGAATCTTTAAGAAACTTCCCTCAATTACGTAAA
      :::::::::::
      ::::::
325  -----TCC-----TTGGGAG-----TGG-----TACCT-----
      650      660

1900      1910      1920      1930      1940      1950      1960
Slit  ATAACTTTAGCAACAATAAGATCACAGATATTGAGGAGGGAGCATTTGAAGGAGCATCTGGTGTAAATG
      .::::: .::::: .:::::
      ::::::
325  -----TTGTTGGTATGGTTGCT-----CTTCGG-----
      670      680

```

Fig. 2M-7

	1970	1980	1990	2000	2010	2020	2030
Slit	AAATACTTCTTACGAGTAATCGTTTGGAAAAATGTCAGCATAAGATGTTCAAGGGATTGGAAAGCCTCAA						
325	--ATACTT----	GATTATC----					
	690						

```

2040      2050      2060      2070      2080      2090      2100
Slit  AACTTGATGTTGAGAAGCAATCGAATAACCTGTGTGGGGAATGACAGTTTCATAGGACTCAGTCTGTG
      :::          :::::      : : : : : : : : : : : : : : : :
325 AAC-----AATAAC--ATTTGAGGATATCAGAATCAG-----
      700          710          720

```

Slit CGTTGCTTCTTGTATGATAATCAAATTACTACAGTGCACCGGGCATTGATACTCTCCATTCTT
 :::: :
 325 ---GCTTC-----
 730

```

2180      2190      2200      2210      2220      2230      2240
Slit  TATCTACTAAACCTCTTGGCCAATCCTTTTAACTGTAACCTGCTACCTGGCTTGGTTGGGAGAGTGGCT
325  ---ACATCTTGA--AAACCTT-----GCTTGTTTGTAT-----T
      740      750      760

```

Fig. 2M-8

```

2250      2260      2270      2280      2290      2300      2310
Slit  GAGAAAGAGAGAAATTGTCACGGGAAATCCTAGATGTCAAAAACCATACTCCTGAAAGAAATACCCATC
      :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::
325  TAGGAAGTAATAATTTA--ACAAAAGTACC-----ATCAAATGCCTTT-----GAAGTAC-----
      770      780      790      800      810

2320      2330      2340      2350      2360      2370      2380
Slit  CAGGATGTGGCCATTTCAGGACTTCACCTTGTGATGACGGGAAATGATGACAAATAGTTGCTCCCCACTTTCTC
      :::::::::::::: :::::::::::::: :::::::::::::: ::::::::::::::
325  -----TTAAAAGTCTT-----AGAAGACTTT-----CTTTGTCTC
      820      830

2390      2400      2410      2420      2430      2440      2450
Slit  GCTGTCCCTACTGAATGTACTTGTGGATACAGTCGTCCGATGTAGCAACAAGGTTTGAAGGTCCTTGCC
      . . . . . ::::: : ::::: : ::::: : ::::: : ::::: :
325  ATAATCCTATTGAA-----GCA---ATACAG-C--CCTTTG---CA-----TTTAAAGGACTTGCC
      850      860      870      880      890

2460      2470      2480      2490      2500      2510      2520
Slit  GAAAGGTATCCAAGAGATGTCACAGAGTTGTATCTGGATGGAAACCAATTACACTGGTTCCTCCCAAGGAA
      .:
      :::::::::::::: TCTGGA---ATACC-----TCC-----
325  AA-----
      900

```

Fig. 2M-9

```

2530      2540      2550      2560      2570      2580      2590
Slit  CTCTCCAACATAAATTAACACTTATAGACTTAAGTAACAACAGAAATAGCACGCTTCTTAATCAGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ---TCCTGAAAAATTCAAGAA-----TTAGGA---ATGTTACTA-GGGATGGG-----TTTAGT--GG
      910      920      930      940      950

2600      2610      2620      2630      2640      2650      2660
Slit  GCTTCAGCAACATGACCCAGCTCCTCACCTTAATCTTAGTTACAACCGTCTGAGATGTATTCCTCCTCG
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  AATTAATAATCTTAA-----ACATTTGATCTTAA-----GTCA-TAATGA-----
      960      970      980      990

2670      2680      2690      2700      2710      2720      2730
Slit  CACCTTTGATGGATTAAAGTCTCTTCGATTACTTTCTCTACATGGAAATGACATTTCTGTGTCCTGAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ----TTTAGAGAAATTTAAAT----TCTGACACACATTCAGT--TTGTTAAAGA-ATT--TAATTTACCTTAA
      1000     1010     1020     1030     1040     1050

2740      2750      2760      2770      2780      2790      2800
Slit  GGTGCTTTCATGATCTTTCTGCATTATCACATCTAGCAATTGGAGCCCAACCCCTCTTTACTGTGATTGTA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  G-----TTAGATAGAA---ACAGAAATAAT-----TAGCATT-----GATAATGAT
      1060      1070      1080

```

Fig. 2M-10

Table 1: TSSs

```

2810      2820      2830      2840      2850      2860      2870
Slit ACATGCAGTGGTTATCCGACTGGGTGAAGTCGGAATATAAGAGCCTGGAATTGCTCGTTGTGCTGGTCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 ACAT-----TTGAAAATATGGGAGCAT-----CTTTGAA--GATCC
1090      1100      1110      1120

2880      2890      2900      2910      2920      2930      2940
Slit TGGAGAAATGGCAGATAAACTTTTACTCACAACTCCCTCCAAAAAATTACCTGTCAAGGTCCTGTGGAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 T-----TAATCTGTCTAT-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      1130

2950      2960      2970      2980      2990      3000      3010
Slit GTCAATATCTAGCTAAGTGTAAACCCCTGCCCTATCAAATCCGTGTAAAAAATGATGGCACATGTAATAGTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -TTAATAATCTTACA-----GCCTTGC--ATCCAAG-----G
1140      1150      1160

3020      3030      3040      3050      3060      3070      3080
Slit ATCCAGTTGACTTTTACCGATGCACCTGTCCATATGGTTTCAAGGGGCAGGACTGTGATGTCCCAATTCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 GTCC-----TTAAGCCGT-----TGTC-----TTCATTG-----ATTCA
1170      1180      1190

```

Fig. 2M-11

```

3090      3100      3110      3120      3130      3140      3150
Slit  TGCCTGCATCAGTAACCCATGTAAACATGGAGGAACCTTGCCACTTAAAGGAGGAGAGATGGATTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 T-----CTTCAGG-----CAAATT-----CTAATC-CTT-----GGGAATGTAACCTGCAAAAC
      1200      1210      1220      1230

3160      3170      3180      3190      3200      3210      3220
Slit  TGGTGTAATTTGTGCTGATGGATTGGAAGGAGAGAAAATTGTGAAGTCAACGTTGATGATTGTGAAGATAATG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 T-----TTTGGGC-----CTTCGA-----G-----G
      1240

3230      3240      3250      3260      3270      3280      3290
Slit  ACTGTGAAAATAATTCTACATGTGTGCGATGGCATTAAATAACTACACATGCCCTTTGCCCCACCTGAGTATAC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 ACTG-----GC-----TAGCAT-----CTTCA--GCCATTAC-----G
      1250      1260      1270

3300      3310      3320      3330      3340      3350      3360
Slit  AGGTGAGTTGTGAGGAGAAAGCTGGACTTCTGTGCCCAGGACCTGAACCCCTGCCAGCAGCATTCAAAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----TCTAAACATCTATT-----GTCAGAAATCCCC-----G
      1280      1290

```

Fig. 2M-12

Fig. 2M-13

	3650	3660	3670	3680	3690	3700	3710
Slit	AGTGTTCCTGGCTATCAGGGAGAAAAGTGTGAAAAATTGGTTAGTGTGAATTTTATAACAAAAGATC						
	:::	:::	:::	:::	:::	:::	:::
325	AGT-----CCT--CT-----GGAAAATACTGAGAC-----TGAGAACATTACTTCTCTGGAA--						
	1460	1470	1480	1490	1500		

```

3790      3800      3810      3820      3830      3840      3850
Slit  GACAGCGGAATCCTCCTGTATAAGGGTGACAAAGACCATATCGCGGTAGAACTCTATCGGGGCGGTGTTT
325  -----TCCATTAT-----GAGACTA-----CA-----GCAGTGTTAC-CTGT-----GCAAATAC
      1560      1570      1580      1590

```

```

3860      3870      3880      3890      3900      3910      3920
Slit  GTGCCAGCTATGACACCGGCTCTCATCCAGCTTCTGCCATTACAGTGTGGAGACAATCAATGATGGA
325 AA-CTTACTA-----CTTCTGTACCTTGAACCT---TGGAAAAAACAAGTGCT-----
1600      1610      1620      1630

```

Fig. 2M-14

```

3930      3940      3950      3960      3970      3980      3990
Slit  CTTCCACATTGTGGAAC TACTTGCCCTTGGATCAGAGTCTCTCTTTGTCCGTGGATGGTGGGAACCCCAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  CTACCG--AATGATGCTGCTT-----CAATGTC-----AGGGA-----
      1640      1650      1660

      4000      4010      4020      4030      4040      4050      4060
Slit  ATCATCACTAACTTGTCAAAGCAGTCCACTCTGAATTTTGACTCTCCACTCTATGTAGGAGGCATGCCAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  AACATCTCTAAATTTGT-----ACACAAGAAGTTGA-----
      1670      1680      1690

      4070      4080      4090      4100      4110      4120      4130
Slit  GGAAGAGTAACGTGGCATCTCTGCGCCAGGCCCTGGGCAGAACGGAACCAAGCTTCCACGGCTGCATCCG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  -GAAGTTGAATGAGGCTT-----TTGACATTTTG---CTAGCTT-----
      1700      1710      1720      1730

      4140      4150      4160      4170      4180      4190      4200
Slit  GAACCTTTACATCAACAGTGAGCTGCAGGACTTCCAGAAAGTGCCGATGCAAAACAGGCATTTTGCCTGGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  -----TTTTCATC-----TTAGCTT-----GTG-----TTTAAATCATTTT-----
      1740      1750      1760

```

Fig. 2M-15

```

4210      4220      4230      4240      4250      4260      4270
Slit  TGTGAGCCATGCCACAAGAAGGTGTGTGCCCATGGCACATGCCAGCCAGCAGGCTTCACCT
325   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      TTTGATC--TAC-----AAAGTTGTT-----CAGTTTA---A
      1770      1780      1790

```

```

Slit GCGAGTCCAGGAAGATGGATGGGCCCCCTCTGTGACCAACGGACCAATGACCCTTGCCCTTGAAATAA
      4280       4290       4300       4310       4320       4330       4340
325 ACAAAAATA--AAGG-----CATCAGAAAACT-----CAAGGGAAAT
      1800       1810       1820

```

```

Slit  ATGCGTACATGGCACCTGCTTGCCCATCAATGCGTTCTCCTACAGCTGTAAGTGCTTGGAGGGCCATGGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 AGACTTGAATA-CTACAGCTT-----TTATCAGTCAGCAAGGTATA-----ATGTA
      1830      1840      1850      1860      1870

```

```

4420      4430      4440      4450      4460      4470      4480
Slit  GGTGTCCTCTGTGATGAAGAGGAGGATCTGTTTAACCCATGCCAGCGCATCAAGTGCAAGCACGGGAAGT
325    . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      ACTG-CCTCAAT-TTG-----TAACACTTCCC-----CAAATTCT--CT-AGAAAGT
      1880      1890      1900      1910

```

Fig. 2M-16

```

4700      4710      4720      4730      4740      4750      4760
Slit  GGAGCAAGCGCGGAAATACTCTTTCGAATGCACCTGACGGCTCCTCCTTGTGGACGAGTTGAGAAAGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  --AACTAA-----ATATTGTCTATAAGAAACT---TCAGTGCCA-----TGGACATGATTATAA-----
      2010      2020      2030      2040      2050

```

Fig. 2M-17

TGGTTGTTGGG

```

4770      4780      4790      4800      4810      4820      4830
Slit GGTGAAGTGGGGCTGTACGAGGTGTGTCTCCTAAACACACTCCCGGCAGCTCTGTCTTTGGAAAAGGTTG
      ::
      ::::
325  -----CTG-----AAAC---CTC-----CTT---ATATAATTA
      2060      2070

4840      4850      4860      4870      4880      4890      4900
Slit TATACTTCTTGACCATGTGGGACTAATGAATGCTTCATAGTGGAAATATTTGAAATATATTGTAAAATAC
      ::
      ::::
325  TATACTT-TAGT---TGGAATATGAATTAATGAGGTTAGCATTATTAAAATATGTTTTTAA-----
      2080      2090      2100      2110      2120      2130

4910      4920      4930      4940      4950
Slit AGAACAGACTTATTTTATTATGAGAAATAAAGACTTTTCTTCTGCATTG
      ::::
      ::::
325  -----TAAAAAATAAATAAATAAAGGGCG-----GCCGC-----
      2140      2150      2160

```

Fig. 2M-18

GCAGCTCTGGGGAGCTCGGAGCTCCCGATCACGGCTTCTTGGGGTAGCTACGGCTGGGTGTGTAGAACGGGGCCGGG	79
GCTGGGGCTGGGTCCCTAGTGGAGACCCCAAGTGCAGAGGCAAGAACTCTGCAGCTTCTGCCCTTCTGGGTCAATTCC	158
TTATTCAAGTCTGCAGCCCGCTCCAGGGAGATCTCGGTGGAATTCAGAAACGCTGGGCAGTCTGCCCTTTCAACC	234
M P L S L G A E M W G P E A W L L L L L L L	20
ATG CCC CTG TCC CTG GGA GCC GAG ATG TGG GGG CCT GAG GCC TGG CTG CTG CTG CTG CTA	294
L L A S F T G R C P A G E L E T S D V V	40
CTG CTG GCA TCA TTT ACA GGC CGG TGC CCC GCG GGT GAG CTG GAG ACC TCA GAC GTG GTA	354
T V V L G Q D A K L P C F Y R G D S G E	60
ACT GTG GTG CTG GGC CAG GAC GCA AAA CTG CCC TGC TTC TAC CGA GGG GAC TCC GGC GAG	414
Q V G Q V A W A R V D A G E G A Q E L A	80
CAA GTG GGG CAA GTG GCA TGG GCT CGG GTG GAC GCG GGC GAA GGC CAG GAA CTA GCG	474
L L H S K Y G L H V S P A Y E G R V E Q	100
CTA CTG CAC TCC AAA TAC GGG CTT CAT GTG AGC CCG GCT TAC GAG GGC CGC GTG GAG CAG	534
P P P P R N P L D G S V L L R N A V Q A	120
CCG CCG CCC CCA CGC AAC CCC CTG GAC GGC TCA GTG CTC CTG CGC AAC GCA GTG CAG GCG	594

Fig. 3A

D	E	G	E	Y	E	C	R	V	S	T	F	P	A	G	S	F	Q	A	R	140
GAT	GAG	GGC	GAG	TAC	GAG	TGC	CGG	GTC	AGC	ACC	TTC	CCC	GCC	GGC	AGC	TTC	CAG	GCG	CGG	654
L	R	L	R	V	L	V	P	P	L	P	S	L	N	P	G	P	A	L	E	160
CTG	CGG	CTC	CGA	GTG	CTG	GTG	CCT	CCC	CTG	CCC	TCA	CTG	AAT	CCT	GGT	CCA	GCA	CTA	GAA	714
E	G	Q	G	L	T	L	A	A	S	C	T	A	E	G	S	P	A	P	S	180
GAG	GGC	CAG	GGC	CTG	ACC	CTG	GCA	GCC	TCC	TGC	ACA	GCT	GAG	GGC	AGC	CCA	GCC	CCC	AGC	774
V	T	W	D	T	E	V	K	G	T	T	S	S	R	S	F	K	H	S	R	200
GTG	ACC	TGG	GAC	ACG	GAG	GTC	AAA	GGC	ACA	ACG	TCC	AGC	CGT	TCC	TTC	AAG	CAC	TCC	CGC	834
S	A	A	V	T	S	E	F	H	L	V	P	S	R	S	M	N	G	Q	P	220
TCT	GCT	GCC	GTC	ACC	TCA	GAG	TTC	CAC	TTG	GTG	CCT	AGC	CGC	AGC	ATG	AAT	GGG	CAG	CCA	894
L	T	C	V	V	S	H	P	G	L	L	Q	D	Q	R	I	T	H	I	L	240
CTG	ACT	TGT	GTG	GTG	TCC	CAT	CCT	GGC	CTG	CTC	CAG	GAC	CAA	AGG	ATC	ACC	CAC	ATC	CTC	954
H	V	S	F	L	A	E	A	S	V	R	G	L	E	D	Q	N	L	W	H	260
CAC	GTG	TCC	TTC	CTT	GCT	GAG	GCC	TCT	GTG	AGG	GGC	CTT	GAA	GAC	CAA	AAT	CTG	TGG	CAC	1014
I	G	R	E	G	A	M	L	K	C	L	S	E	G	Q	P	P	P	S	Y	280
ATT	GGC	AGA	GAA	GGA	GCT	ATG	CTC	AAG	TGC	CTG	AGT	GAA	GGG	CAG	CCC	CCT	CCC	TCA	TAC	1074

Fig. 3B

Fig. 3C

[illegible]

Fig. 3D

TCAAGCAATCCTCGCCTCAGCCTCCCTAGTAGCTGGGACTTTAAGTGACACCACCTGTGCCCTGCTTGAATCCTTA 2715
 CGAAGAGAAAAAATAAAGAAAGCCTTTAGATTATCCAATGTTTACTACTGGGATTGCTTAAAGTGAGGCCCT 2794
 CCAACACAGGGGTTAAATTCCTGTGATTGTGAAAGGGCTACTTCCAAGGCATCTTCATGCAGGCAGCCCCTTGGGAG 2873
 GGCACTGAGAGCTGGTAGAGTCTGAAATTAGGGATGTGAGCCTCGTGGTTACTGAGTAAGGTAAAAATTGCATCCACCA 2952
 TTGTTTGTGATACCTTAGGGAAATTGCTTGGACCTGGTGACAAGGGCTCCTGTTCATAGTGGTGTGGGGAGAGAGAGA 3031
 GCAGTGATTATAGACCGAGAGAGTAGGAGTTGAGGTGAGGTGAAGGAGGTGCTGGGGTGAGAAATGTCGCCCTTCCCCC 3110
 TGGGTTTGGATCACTAAATCAAGGCTCTTCTGGATGTTTCTCTGGGTGGGCTGGAGTTCAATGAGGTTTATTTTA 3189
 GCTGGCCCAACCAGATACACTCAGCCAGAAATACCTAGATTTAGTACCCAAACTCTTCTTAGTCTGAAATCTGCTGGATT 3268
 TCTGGCCTAAGGGAGAGGCTCCCATCCTTCGTTCCCCAGCCAGCCTAGGACTTCGAAATGTGGAGCCTGAAGATCTAAGA 3347
 TCCTAACATGTACATTTTATGTAAATATGTGCATATTTGTACATAAAATGATATTCTGTTTAAATAAACAGACAAA 3426
 CTTGAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 3505
 AAAAA 3510

Fig. 3E

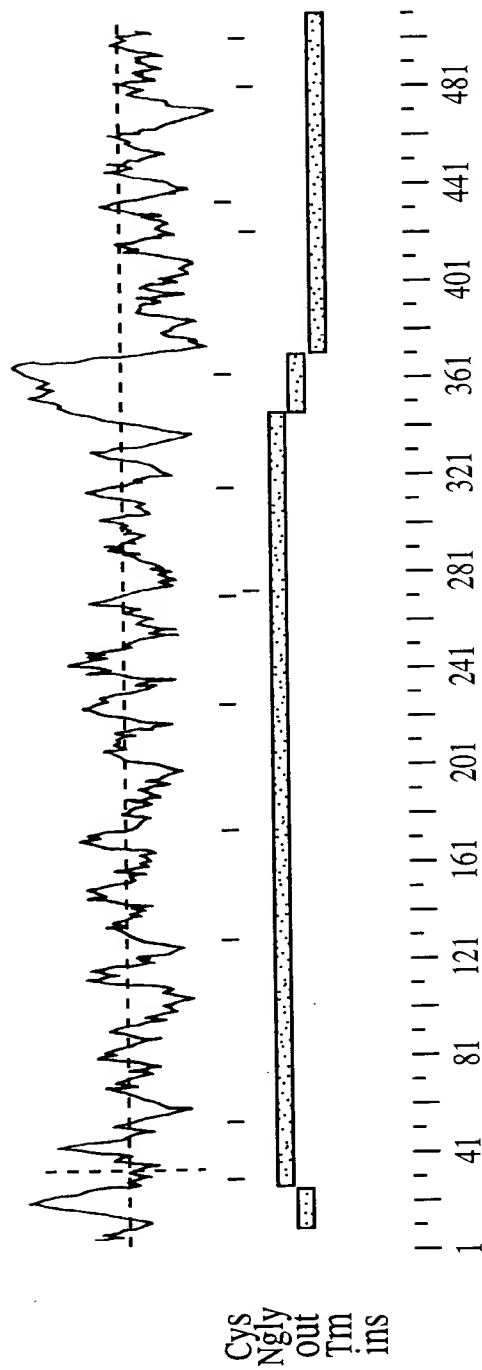


FIG. 3F

Fig. 3G

V S A S V V V V V G V I A A L L F C L L V 179
 GTG TCA GCC TCG GTG GTG GTG GGT GTG ATC GCC GCA CTC TTG TTC TGC CTT CTG GTG 538

V V V V L M S R Y H R R K A Q Q M T Q K 199
 GTG GTG GTG GTG CTC ATG TCC CGA TAC CAT CGG CGC AAG GCC CAG CAG ATG ACC CAG AAA 598

Y E E E L T L T R E N S I R R L H S H H 219
 TAT GAG GAG GAG CTG ACC CTG ACC AGG GAG AAC TCC ATC CGG AGG CTG CAT TCC CAT CAC 658

T D P R S Q S E E P E G R S Y S T L T T 239
 ACG GAC CCC AGG AGC CAG AGT GAA GAG CCC GAG GGC CGC AGT TAC TCC ACG CTG ACC ACG 718

V R E I E T Q T E L L S P G S G R A E E 259
 GTG AGG GAG ATA GAA ACA CAG ACT GAA CTG CTG TCT CCA GGC TCT GGG CGG GCC GAG GAG 778

E E D Q D E G I K Q A M N H F V Q E N G 279
 GAG GAA GAT CAG GAT GAA GGC ATC AAA CAG GCC ATG AAC CAT TTT GTT CAG GAG AAT GGG 838

T L R A K P T G N G I Y I N G R G H L V 299
 ACC CTA CGG GCC AAG CCC ACG GGC AAT GGC ATC TAC ATC AAT GGG CGG GGA CAC CTG GTC 898

* 300
 TGA 901

Fig. 3H

CCCAGGCTGCCTCCCTAGGCTGGCTCCTTCTGTTGACATGGAGATTTTAGCTCATCTTGGGGCCTCCTTA 980
AACACCCCATTTCTTGCGAAGATGCTCCCCATCCCACTGACTGCTTGACCTTTACCTCCAACCCTTCTGTTCATCGG 1059
GAGGGCTCCACCAATTGAGTCTCTCCACCATGCATGCAGTCACTGTGTGTCATGTGTGCCCTGTGTGAGTGTGA 1138
CTGACTGTGTGTGTGGAGGGTGACTGTCCGTGGAGGGTGACTGTGTCCGTGGTGATTAATGCTGTCAATACAG 1217
AGTCAAGTGAAGTGTGTATGTGCCACGGGATTTGAGTGGTGGCAACACTGTCAAGGTTTGGCGTGTGTGT 1296
CATGTGGCTGTGTGACCTCTGCCGTA AAAAAGCAGGATTTTCTCAGACCCAGAGCAGTATTAATGATGCAGAGGTT 1375
GGAGGAGAGAGGTGGAGACTGTGGCTCAGACCCAGGTGTGGGGCATAGCTGGAGCTGGAATCTGCCTCCGGTGTGAGG 1454
GAACCTGTCTCCTACCACCTTCGGAGCCATGGGGCAAGTGTGAAGCAGCCAGTCCCTGGGTGAGCCAGAGGCTTGAAC 1533
GTTACAGAAAGCCCTCTGCCCTCTGGTGGCTCTGGCCCTGCTGCATGTACATATTTTCTGTAAATATACATGCGCCGGG 1612
AGCTTCTTGCAGGAATACTGCTCCGAATCACTTTTAAATTTTCTTTTCTTTTCTTTGCCCCCTTTCCATTAGTTGTATT 1691
TTTTATTTATTTTATTTTATTTTATTTTATGAGATGGAGTCTCACTATGTTGCTCAGGCTGGCCTTGAACCTCCTGGGC 1770
TCAAGCAATCCTCCTGCCTCAGCCTCCCTAGTAGCTGGGACTTTAAGTGTACACCACACTGTGCCTGCTTTGAATCCTTTA 1849
CGAAGAGAAAAAATAATTAAGAAAAAGCCTTTAGATTTATCCAAATGTTTACTACTGGGATTGCTTAAAGTGAGGCCCT 1928
CCAAACCCAGGGGTTAATTCCTGTGATTTGTAAAGGGGCTACTTCCAAAGGCATCTTTCATGCAGGCAGCCCCCTTGGGAG 2007
GSCACCTGAGAGCTGTAGAGTCTGAAATTAGGGATGTAGCCTGGTGACAAGGCTCCTGTTCATATAGTGGTGTGGG 2086
GAGAGAGAGAGCAGTGATTTATAGACCCGAGAGTAGGAGTTGAGGTGAGGTGAAGGAGGTGCTGGGGGTGAGAAATGTCG 2165
CCTTTCCCCCTGGGTTTGGATCACTAATTC AAGGCTCTTCTGGATGTTTCTCTGGGTGGGCTGGAGTTCAATGAGG 2244
TTTATTTTAGCTGGCCACCCAGATACACTCAGCCAGAAATACCTAGATTTAGTACCCAAACTCTTCTTAGTCTGAAAT 2323
CTGCTGGATTTCTGGCCTAAGGGAGAGGCTCCCCATCCTTCTGTTCCCCAGCCAGCCTAGGACTTCGAAATGTGGAGCCTGA 2402
AGATCTAAGATCCTAACATGTACATTTTATGTAAATATGTGCATATTTGTACATAAAATGATATCTCTGTTTAAATAA 2481
ACAGACAAAACCTGAAAAA AAAAAAAAAA 2510

Protein: T159960

```

100      110      120      130      140      150      160
ALT  NWTRLDGPLPSGVRVDGDTLGFPPLTTEHSGIYVCHVSNEFSSRDSQVTVDVLADPQEDSGKQVDLVSAS
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
T364  NWTRLDGPLPSGVRVDGDTLGFPPLTTEHSGIYVCHVSNEFSSRDSQVTVDVL~DPQEDSGKQVDLVSAS
      290      300      310      320      330      340

170      180      190      200      210      220
ALT  VVVVGVI AALLFCLLVVVVLMRSYHRRKAQQMTQKYEEELTLTRENSIRRLHSHHTDPRSQ-----
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
T364  VVVVGVI AALLFCLLVVVVLMRSYHRRKAQQMTQKYEEELTLTRENSIRRLHSHHTDPRSQPEESVGLR
      350      360      370      380      390      400      410

ALT  -----SEEPEGRSYSTLTTVREIETQTPELLSPGSGRAEEEEEDQDEGIKQAMNHFVQEN
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
T364  AEGHPDSLKDNSSCSVMSEEPEGRSYSTLTTVREIETQTPELLSPGSGRAEEEEEDQDEGIKQAMNHFVQEN
      420      430      440      450      460      470      480

280      290
ALT  GTLRAKPTNGIYINGRHLV
      ::::::::::::::::::::::::::::::
T364  GTLRAKPTNGIYINGRHLV
      490      500      510

```

Fig. 3K

Fig. 4A

Fig. 4B

Fig. 4C

TOBTFO-TF999Z60

52/67

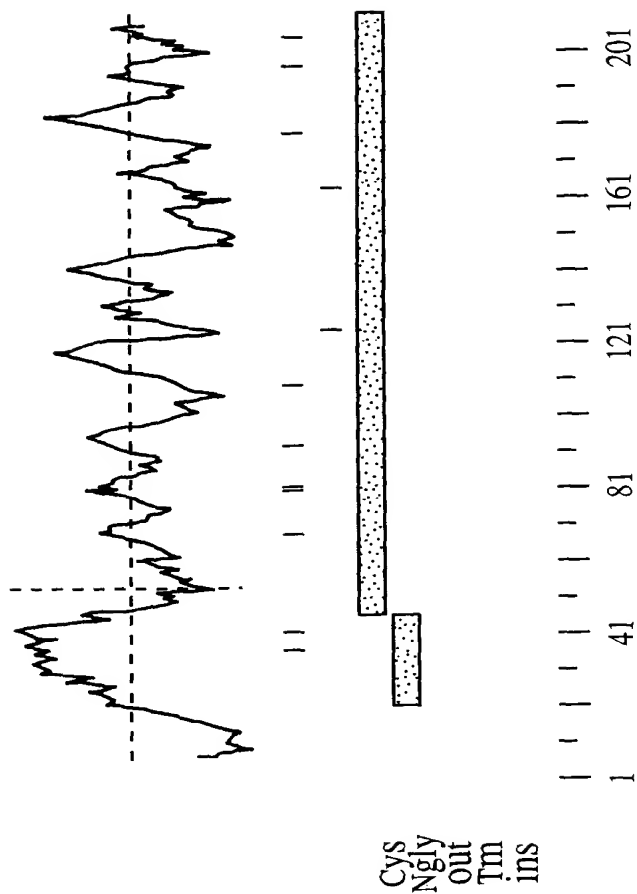


FIG. 4D

T06T10" T599260

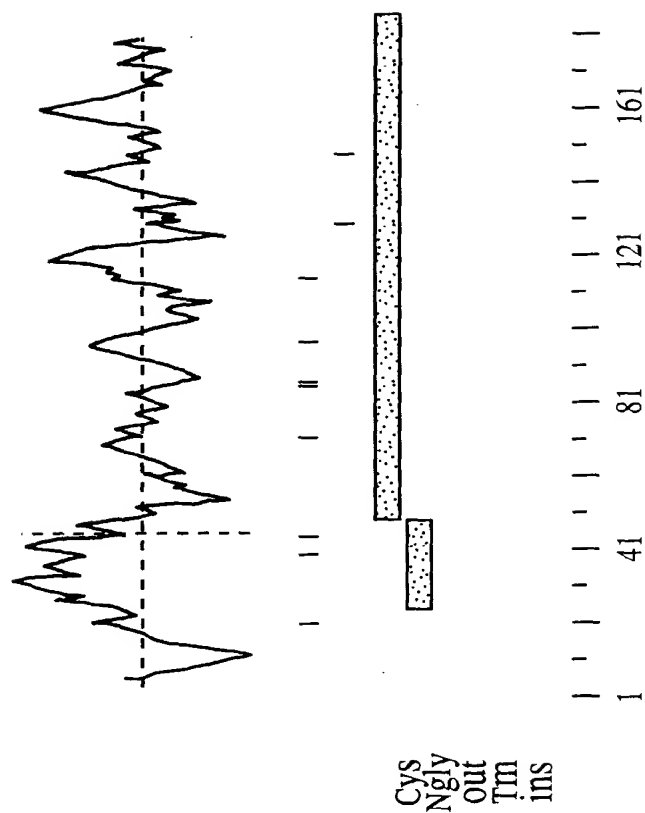


FIG. 46

406610" 453260

human	MMQEQQPQST	10	20	30	40	50	60	70
	TEKRGWLSRLWSVAGISIALLSACFIVSCVVYHFTYGETGKRLSELHSHSLTCFSEG							
murine	MVQERQSQGKVC-W-TLRLWSAAVISMLLLSTCFIASCVVYQFIMDQPSRRLYELHTYHSSSLTCFSEG	10	20	30	40	50	60	
human	TKVPA--WGCCPASWK	80	90	100	110	120	130	
	SGSSCYFISSEKVVSKSEQNCVEMGAHLVVFNTAEQNFIVQQLNESFSYFL							
murine	TMVSEKMWGCCPNHWKSGSSCYLISTKENFWSTSEQNCVQMGHLVVINTEAEQNFITQQLNESLSYFL	70	80	90	100	110	120	130
human	GLSDPQGN	140	150	160	170	180	190	200
	NWQWIDKTPYEKNVRFWHLGEPNHSAEQCASIVFWKPTGWGWNDVICETRRNSICEMNKIY							
murine	GLSDPKVMAN-----GNGSMILLSV---KMSGSG-----TPMNPIFQKSGVF	140	150	160	170	180	190	200

human L

murine Q

Fig. 4H

TTGTTGTTT59460

```

human ATGATGCAAGAGCAGCAACCTCAAAGTACAGAGAAAAGAGGCTGGTTGTCCCTGAGACTCTGGTCTGTGG
      10      20      30      40      50      60      70
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine ATGGTGCAGGAAAGACAATCCCA-----AGGGAAGGAGTCTGCTGGACCCCTGAGACTCTGGTCAAGCTG
      10      20      30      40      50      60

human CTGGGATTCCATTGCACCTCCTCAGTCTTGCCTTCATTGTGAGCTGTGTAGTAACTTACCAATTTACATA
      80      90      100      110      120      130      140
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine CTGTGATTCCATGTTACTCTTGAGTACCTGTTTCATTGCGAGCTGTGTGGTGAAGTACCAATTTATTAT
      70      80      90      100      110      120      130

human TGGTGAAACTGGCAAAAGGCTGTCTGAACCTACACTCATATCAATTCAAAGTCTCACCTGCTTCAGTGAAGGG
      150      160      170      180      190      200      210
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine GGACCAGCCCAGTAGAAGACTATATGAACTTCACACATACCATTCCAGTCTCACCTGCTTCAGTGAAGGG
      140      150      160      170      180      190      200

human ACAAGGTGCCAGCC-----TGGGGATGTTGCCCAGCTTCTTGGAAGTCAATTTGGTTCAGTTGCTACT
      220      230      240      250      260      270
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine ACTATGGTGTCAAGAAAAAATGTGGGGATGCTGCCCAAATCACTGGAAGTCAATTTGGCTCCAGCTGCTACC
      210      220      230      240      250      260      270

```

Fig. 4I

T06T0" T599460

```

280      290      300      310      320      330      340
human  TCATTTCCAGTGAAGAGAAGGTTTGGTCTAAGAGTGAGCAGAACTGTGTTGAGATGGGAGCACATTGGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine  TCATTTCTACCAAGGAGAACTTCTGGAGCACCAGTGAGCAGAACTGTGTTGAGATGGGGCTCATCTGGT
280      290      300      310      320      330      340

350      360      370      380      390      400      410
human  TGTGTTCAACACAGAGCAGAGCAGAATTTCATTGTCAGCAGCTGAATGAGTCATTTCTTATTTCTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine  GGTGATCAATACTGAAGCGGAGCAGAAATTTCATCACCCAGCAGCTGAATGAGTCATTTCTTACTTCCTG
350      360      370      380      390      400      410

420      430      440      450      460      470      480
human  GGGCTTTCAGACCCACAGGTAATAATAATTGGCAATGGATTGATAAGACACCTTATGAGAAAAATGTCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine  GGTCTTTCGGATCC-CAAGGTAATGGCAAATGGCAATGGATCGATGATACCTCCTTTCAGTCAAAATGTCA
420      430      440      450      460      470      480

490      500      510      520      530      540      550
human  GATTTTGGCACCTAGGTAGGCCCAATCATTTCTGCAGAGCAATGTGCTTCAATAGTCTTCTGGAAACCTAC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
murine  GGTCTTGGCACCCCATGAACCCCAATCTCCAGAAGAGCGGTGTGTTCAA-----
490      500      510      520      530

```

Fig. 4J

TGGTTGTTGGTTGG

560 570 580 590 600 610 620
human AGGATGGGGCTGGAATGATGTTATCTGTGAACTAGAAGGAATTCAATATGTGAGATGAATAAGATTTAC

murine -----

human CTA

murine ---

Fig. 4K

FIGURE 4L

mT405	MVQERQSQGKGVCTLR	10	20	30	40	50	60	70
	WAAVISMLLSTCFIASC							
	VVTYQFIMDQPSRR							
	LYELHTYHSSLTCF							
	SEGT							
Dectin	MVQERQSQGKGVCTLR	10	20	30	40	50	60	70
	WAAVISMLLSTCFIASC							
	VVTYQFIMDQPSRR							
	LYELHTYHSSLTCF							
	SEGT							
mT405	VSEKMWGCCPNHWK	80	90	100	110	120	130	140
	SGSSCYLISTKEN							
	FWSTSEQNCVQMG							
	AHLVVINTEAEQ							
	NFITQQQLNESL							
	SFYLGL							
Dectin	VSEKMWGCCPNHWK	80	90	100	110	120	130	140
	SGSSCYLISTKEN							
	FWSTSEQNCVQMG							
	AHLVVINTEAEQ							
	NFITQQQLNESL							
	SFYLGL							
mT405	SDPKVMAN---	150	160	170	180	190	200	
	GN GSMILLSVKMSG							
	SGTGMNP-----							
	IF-----							
	QKSGVFQ							
Dectin	SDPQNGKQWIDDT	150	160	170	180	190	200	
	PF SQNVRFWHP							
	HEPNLPEERC							
	VSIVYWNPS							
	KGWNVFCDS							
	KHNSICEM							
	KKIYL							

Fig. 4L

TGGTGTG

CGACCCCGCG	TCCGCTGACT	TCTGGGTTTG	CAGCATTGGC	CCGCTCTGTG	GCATTAACT	60
CAAGTGTGTG	TGGAAGTTGA	TTCTGAACCTC	TGGCCTCTTT	GACAGAAGCC	AGTCCCTGA	120
GTCGTATTTT	GGAGACAGAT	GCAAGAAACC	CCTGACCTTC	TGAACATACA	CCTCAACA	178
ATG GTG CAG GAA AGA CAA TCC CAA GGG AAG GGA GTC TGC TGG ACC CTG	226					
Met Val Gln Glu Arg Gln Ser Gln Gly Lys Gly Val Cys Trp Thr Leu	15					
1 5 10						
AGA CTC TGG TCA GCT GCT GTG ATT TCC ATG ATG TTA CTC TTG AGT ACC TGT	274					
Arg Leu Trp Ser Ala Ala Val Ile Ser Met Leu Leu Ser Thr Cys	30					
20 25						
TTC ATT GCG AGC TGT GTG GTG ACT TAC CAA TTT ATT ATG GAC CAG CCC	322					
Phe Ile Ala Ser Cys Val Val Thr Tyr Gln Phe Ile Met Asp Gln Pro	45					
35 40						
AGT AGA AGA CTA TAT GAA CTT CAC ACA TAC CAT TCC AGT CTC ACC TGC	370					
Ser Arg Arg Leu Tyr Glu Leu His Thr Tyr His Ser Ser Leu Thr Cys	60					
50 55						
TTC AGT GAA GGG ACT ATG GTG TCA GAA AAA ATG TGG GGA TGC TGC CCA	418					
Phe Ser Glu Gly Thr Met Val Ser Glu Lys Met Trp Gly Cys Pro	80					
65 70 75						

Fig. 4N

AAT CAC TGG AAG TCA TTT GGC TCC AGC TGC TAC CTC ATT TCT ACC AAG	466
Asn His Trp Lys Ser Phe Gly Ser Ser Cys Tyr Leu Ile Ser Thr Lys	95
	90
	85
	100
GAG AAC TTC TGG AGC ACC AGT GAG CAG AAC TGT GTT CAG ATG GGG GCT	514
Glu Asn Phe Trp Ser Thr Ser Glu Gln Asn Cys Val Gln Met Gly Ala	110
	105
	120
CAT CTG GTG GTG ATC AAT ACT ACT GAA GCG GAG CAG AAT TTC ATC ACC CAG	562
His Leu Val Val Ile Asn Thr Glu Ala Glu Gln Asn Phe Ile Thr Gln	125
	115
	130
CAG CTG AAT GAG TCA CTT TCT TAC TTC CTG GGT CTT TCG GAT CCA CAA	610
Gln Leu Asn Glu Ser Leu Ser Tyr Phe Leu Gly Leu Ser Asp Pro Gln	140
	135
	150
GGT AAT GGC AAA TGG CAA TGG ATC GAT GAT ACT CCT TTC AGT CAA AAT	658
Gly Asn Gly Lys Trp Gln Trp Ile Asp Asp Thr Pro Phe Ser Gln Asn	160
	145
	155
	170
GTC AGG TTC TGG CAC CCC CAT GAA CCC AAT CTT CCA GAA GAG CGG TGT	706
Val Arg Phe Trp His Pro His Glu Pro Asn Leu Pro Glu Glu Arg Cys	175
	165

Fig. 40

TTGTTGTTTGGG

GTT TCA ATA GTT TAC TGG AAT CCT TCG AAA TGG GGC TGG AAT GAT GTT	754
Val Ser Ile Val Tyr Trp Asn Pro Ser Lys Trp Gly Trp Asn Asp Val	
180 185 190	
TTC TGT GAT AGT AAA CAC AAT TCA ATA TGT GAA ATG AAG AAG ATT TAC	802
Phe Cys Asp Ser Lys His Asn Ser Ile Cys Glu Met Lys Lys Ile Tyr	
195 200 205	
CTA TGA GTGCCCTGTTA TTCAATTAATA TCTTTAAAGT TCAGACCTAC CAAGAAGCCA	858
Leu *	
TAACTTCTTG GCCTGTACAT CTGACAGAGG CCGTTCCTTT CCTAGCCACT ATTCCTTACT	918
CAAAACAGAAAT GAGCCCTTTC TCCTTCTGAT GGTAGAGTT TTGTCAACTT GACACAAACT	978
AGAGTCACCT GGGGAGTAGG ATCTTCAGCT AAGGAATTGC CTCTGTCAGC TTGACCAGTC	1038
AGCATGTCTG GGGGCATTTT CTTGATTAAAT GATTGTTGTA AGAGGTCCA GGTGGTAAGC	1098
AAAGGTGTTA AACCCATGAA GAGCAAGCCA GGGAGCATCA TCCATCCATC TCTGCCCTCA	1158
GGTTCTGCCC CCAGGGTCTT GCCCTGGTTT CTTTCTATGA ACTGCTGTTA CTTGAAAGTA	1218
TAAGATGAAT AAACAATTTC ATCCAAAAAA AAAA	1252

Fig. 4P

GTCGACCCACGCGTCGGGAAACCATTCACCAATCACCCCTCCTGAGGAACTCTTAGCACTGCATAAAGT	68
GTTCTGAGTTTGTAATCAGATATTGCACACTGGTTCCTTCAAAACAGACATGACAGGAGCTGGCTTTGG	138
GCTAGGCTGCTCCTTGCCTATGATGGGGAAGGTTAAACCCCTACAGGGCTTATGTATGTGGAACCTGTT	208
GGAACACTGATTAAATGGGATGGACTTCACCTTAACACTCTTGATTTCCAATATATGTTTGTAGTAAAAG	278
M Q S H L 5	
AACTGCTATCCACAAAACACCATTAATCCTTTAGGGAGGCAGAAAAGGCCAGA ATG CAA AGC CAT CTT	345
F I T L L G S V F L L L L W A F I W G G	23
TTC ATT ACA CTA GGG TCT GTC TTT TTA CTT CTC TGG GCC TTT ATC TGG GGA GGG	399
H V S P T W N S E P G Q D S N L W A	41
CAT GTT TCC CCC ACT TGG AAC AGT GAG CCT GGC CAG GAC AGT AAC CTG TGG GCT	453
C D D I I S N R E W E R M L A S Q V	59
TGT GAT GAC ATT ATT TCT AAT AGG GAA TGG GAA AGG ATG TTA GCT TCT CAG GTT	507
L K C P G G E E K G R H E K E T M K	77
TTA AAG TGT CCT GGA GGA GAA GAG AAA GGA CAT GAG AAG GAG ACA ATG AAG	561
K M G E G E I V	85
AAG ATG GGT GAG GGG GAG ATA GTG TAAGACCCCTGAGAATGGCATAGGGTAAACTGGGACAG	623
AGATACTGTGGAGAACGATAGCTGCAGAGGGACAGAGGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGATATAAA	693
ACAGTTTGGAGAAACTCTCACAAATACATTCAATAAGAACCAAGCAATATAAAATGGGCAACAGATA	763
CCACAGAAGATGATATATTGAGTGGCCCAATAAATACATAAAAAATATGCTCAACATCTATAATTACGAGG	833
AAATGCCAAATTAAAAGCACTGTGAGATACCACTACACACTGATGAGAATGGCTAAATCAAAAAAGACCA	903
ACCAGCACTTTGGAGGCCGAGGTGGCGGATCATGAGGTGAGGAGTTTGAGACTAGCCTGACCAACATG	973

Fig. 5A

TTTATTTT

GTGAAACCCCTGTCTACTAAACATACAAAAATTAGCTGGGGTGGTGGCATGCGCCTGTAATTCAGCT 1043
ACTCAGGAGGCTGAGGCAGGAGAAATCGCTTGAACCCAGGAGGCAGAGATTACAGTGAGCCGAGATCATGC 1113
CCTTGCACTCTAGCCTGGGTGACAGAGCGAGACTCTGTCTTAAAAAATAAAAAAATAAAAAAATAAAAAA 1183
AAAAAAAAGGGCGGGCCGC 1202

Fig. 5B

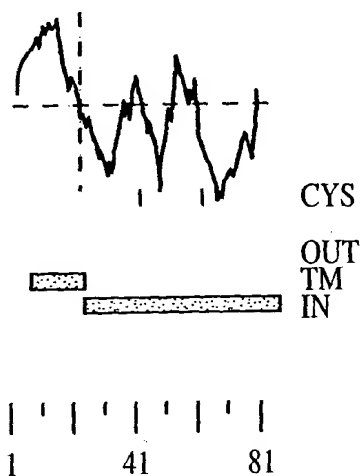


FIG. 5C